

DOI:10.13350/j.cjpb.230221

• 临床研究 •

儿科患者院内感染特征及危险因素分析

殷晓宁, 贾维宁*

(张家口学院护理学院, 河北张家口 075000)

【摘要】 **目的** 分析儿科院内感染特征、病原菌分布特点及感染危险因素。 **方法** 选取 247 例儿科院内感染的患儿资料作为研究对象, 回顾性分析患儿的病例资料, 包括一般资料、医院感染资料及送检标本的病原菌鉴定结果。对被诊断为院内感染或可疑感染的患儿进行标本采集, 接种于不同培养基进行培养分离后, 采用全自动微生物鉴定仪进行病原菌鉴定。采用聚合酶链式反应对产超广谱 β -内酰胺酶肺炎克雷伯菌进行扩增, 通过扩增产物进行基因分型。 **结果** 247 例发生院内感染的患儿, 共发生 269 例次感染。发生感染部位中, 主要以呼吸道(上呼吸道 98 例次、下呼吸道 57 例次)与胃肠道(45 例次)为主, 其余依次为切口、泌尿系统、血液、皮肤、腹腔、其他部位。共检出病原菌 275 株, 其中革兰阴性菌 152 株, 革兰阳性菌 56 株, 真菌 25 株, 病毒 42 株。革兰阴性菌主要为肺炎克雷伯菌(29.45%)、大肠埃希菌(12.00%)、铜绿假单胞菌(6.55%)。革兰阳性菌主要为金黄色葡萄球菌(9.82%)与表皮葡萄球菌(4.36%)。真菌以白色念珠菌(5.82%)为主, 病毒以轮状病毒(8.73%)为主。上呼吸道感染部位分离病原菌主要为肺炎克雷伯菌(36 株)、大肠埃希菌(10 株)及金黄色葡萄球菌(7 株)。下呼吸道感染部位分离病原菌主要为肺炎克雷伯菌(19 株)与大肠埃希菌(5 株)。胃肠道感染部位分离病原菌主要为轮状病毒(22 株)、大肠埃希菌(12 株)与肺炎克雷伯菌(9 株)。切口感染部位分离病原菌主要为金黄色葡萄球菌(12 株)与表皮葡萄球菌(5 株)。81 株肺炎克雷伯菌中, 产超广谱 β -内酰胺酶肺炎克雷伯菌 42 株(51.85%)。对 42 株产超广谱 β -内酰胺酶肺炎克雷伯菌进行 PCR 扩增, 42 株菌株引物扩增均呈阳性, 主要为 TEM 型(10 株)、CTX-M-1 型(8 株)及 CTX-M-9 型(7 株)。对比 247 例发生院内感染患儿与同期 80 例未发生院内感染患儿的临床资料分析发现, 年龄、营养状况、住院时间、抗菌药物使用种类、抗菌药物使用时间、重症监护对比差异有统计学意义(均 $P < 0.05$), 侵袭性操作对比差异无统计学意义(均 $P > 0.05$)。二元 Logistic 回归分析发现, 年龄 ≤ 3 岁、营养状况差、住院时间 > 10 d、抗菌药物使用种类 > 3 种、抗菌药物使用时间 > 3 结论 儿科院内感染主要发生于呼吸道与胃肠道, 以肺炎克雷伯菌、大肠埃希菌、金黄色葡萄球菌、轮状病毒为主, 不同感染部位分布的病原菌种类具有差异化。产超广谱 β -内酰胺酶肺炎克雷伯菌基因型主要为 TEM、CTX-M-1 及 CTX-M-9。年龄、营养状况、住院时间、抗菌药物使用情况均会引起儿科患儿发生院内感染, 临床上应予以重视。

【关键词】 院内感染; 产超广谱 β -内酰胺酶肺炎克雷伯菌; 耐药基因; 危险因素

【中图分类号】 R378.996

【文献标识码】 A

【文章编号】 1673-5234(2023)02-0229-04

[Journal of Pathogen Biology. 2023 Feb;18(2):229-232,237.]

Analysis and study on distribution characteristics and risk factors of nosocomial infection in pediatrics

YIN Xiao-ning, JIA Wei-ning (School of Nursing, Zhangjiakou University, Zhangjiakou 075000, Hebei, China)*

【Abstract】 **Objective** To analyze the distribution characteristics and risk factors of pathogenic bacteria in pediatric hospital infection. **Methods** The data of 247 children with nosocomial infection in the pediatric inpatient department of our hospital were selected as the research object, and the cases data of children were analyzed retrospectively, including general data, hospital infection data and pathogen identification results of the samples submitted for examination. The samples of children diagnosed as hospital infection or suspected infection were collected, inoculated in different culture media for culture and separation, and then the pathogens were identified by automatic microbial identification instrument. The ESBLs-producing *Klebsiella pneumoniae* was amplified and genotyped by the PCR. Results There were 269 cases of nosocomial infection in 247 children. The main infection sites were respiratory tract (98 cases of upper respiratory tract, 57 cases of lower respiratory tract) and gastrointestinal tract (45 cases of lower respiratory tract), and the rest were incision, urinary system, blood, skin, abdominal cavity and other sites in turn. 275 pathogens were detected, including 152 gram-negative bacteria, 56 gram-positive bacteria, 25 fungi and 42 viruses. Gram negative bacteria were mainly *K. pneumoniae* (29.45%), *Escherichia coli* (12.00%) and *Pseudomonas aeruginosa* (6.55%). The main Gram positive bacteria were *Staphylococcus aureus* (9.82%) and *S. epidermidis* (4.36%). *Candida albicans* (5.82%) was the main

* **【通讯作者】** 贾维宁, E-mail: 770572339@qq.com

【作者简介】 殷晓宁(1981-), 女, 河北张家口人, 医学硕士, 讲师。研究方向: 医学基础教育。E-mail: iugc9822@21cn.com

fungus and rotavirus (8.73%) was the main virus. The pathogenic bacteria isolated from the upper respiratory tract infection site were mainly *K. pneumoniae* (36 strains), *E. coli* (10 strains) and *Staphylococcus aureus* (7 strains). The pathogenic bacteria isolated from the lower respiratory tract infection site were mainly *K. pneumoniae* (19 strains) and *E. coli* (5 strains). The main pathogens isolated from the gastrointestinal tract infection site were rotavirus (22 strains), *Escherichia coli* (12 strains) and *K. pneumoniae* (9 strains). The main pathogens isolated from the wound infection site were *Staphylococcus aureus* (12 strains) and *S. epidermidis* (5 strains). Among 81 strains of *K. pneumoniae*, there were 42 strains (51.85%) of producing ESBLs. The PCR amplification of ESBLs-producing *K. pneumoniae* showed that 42 strains were positive, mainly TEM type (10 strains), CTX-M-1 type (8 strains) and CTX-M-9 type (7 strains). By comparing the clinical data of 247 children with nosocomial infection and 80 children without nosocomial infection in the same period, it was found that there were statistically significant differences in age, nutritional status, length of stay, type of use of antibacterial drugs, duration of use of antibacterial drugs, and intensive care ($P < 0.05$), while there were no statistically significant differences in invasive operations ($P > 0.05$). Further binary logistic regression analysis showed that age ≤ 3 years old, poor nutritional status, hospitalization time > 10 days, types of antibacterial drugs > 3 , and duration of antibacterial drugs > 3 days were independent risk factors for pediatric nosocomial infection ($P < 0.05$). **Conclusion** Pediatric hospital infection mainly occurs in the respiratory tract and gastrointestinal tract, mainly including *K. pneumoniae*, *E. coli*, *S. aureus* and rotavirus. The types of pathogens distributed in different infection sites are different. The main genotypes of ESBLs-producing *K. pneumoniae* were TEM, CTX-M-1 and CTX-M-9. Age, nutritional status, length of stay in hospital, and use of antibacterial drugs can cause nosocomial infection in pediatric children, which should be paid attention to clinically.

【Key words】 nosocomial infection; ESBLs-producing *Klebsiella pneumoniae*; drug resistance gene; risk factors

院内感染(Nosocomial infection)特指住院病人在院内发生的感染及院内获得出院后发生的感染。随着大量免疫抑制剂的不规范使用及抗菌药物的耐药率上升,早产儿、低体重儿等易感人群及不断变化的传染源,使医院感染率不断上升。随着感染率的上升,不仅增加患者的痛苦及经济压力,同时给对医疗安全、诊疗水平均带来极大挑战^[1-2]。由于儿童的全身组织器官尚处于发育阶段,自身免疫功能较低,当因病入院治疗时,更易受到外界病原菌侵入,成为院内感染的易感人群^[3]。例如轮状病毒引起的儿童急性胃肠道感染,研究发现,30%~70%胃肠炎住院患儿是由轮状病毒感染引发,轮状病毒感染可导致每年约60万婴幼儿病死^[4]。本研究通过分析247例儿科住院部发生院内感染的患儿资料,研究本地区院内感染患儿的病原菌分布特点及发生院内感染的影响因素,为临床上进行早期预防护理提供参考依据。

材料与amp;方法

1 材料

1.1 研究对象 选取247例本院儿科住院部发生院内感染的患儿资料作为研究对象,其中男性患儿129例(52.23%),女性患儿118例(47.77%)。纳入标准:①院内感染患儿诊断符合中华人民共和国卫生部颁布的《医院感染诊断标准(试行)》的相关标准;②临床资料完整;③无合并其他全身免疫系统疾病;④入院前无使用抗抗菌药物记录。同时随机选取同期未发生院内感染的80例患儿作为对照组进行研究分析。本次研

究已获取所有患儿监护人的同意,并签署知情同意书。

1.2 主要仪器与试剂 BD PHOENIX™100,美国BD;离心机,上海卢湘仪;生物安全柜,上海力申;凝胶成像仪,美国Bio-Rad;血平板、麦康凯培养基,法国梅里埃;PCR反应体系所用试剂,宝生物工程(大连)有限公司。

2 方法

2.1 资料收集 回顾性分析参与本次研究患儿的病例资料,包括一般资料(性别、年龄、住院时间、营养情况)、医院感染资料(感染部位、抗菌药物使用情况、侵袭性操作、重症监护等)、送检标本的病原菌鉴定结果。

2.2 标本采集及病原菌鉴定 对被诊断为院内感染或可疑感染的患儿进行标本采集,包括痰液、血液、粪便、脓液、尿液、创面分泌物等。将不同标本接种于不同培养基上,进行细菌分离、培养18~24 h。挑取饱满菌落进行分离纯化后,采用全自动微生物鉴定仪进行病原菌鉴定。

2.3 产超广谱β-内酰胺酶肺炎克雷伯菌基因检测

2.3.1 产超广谱β-内酰胺酶的检测 采用美国临床实验室标准化委员会(CLSI 2020)推荐方法进行表型筛查及确证。

2.3.2 DNA模板制定 将产超广谱β-内酰胺酶肺炎克雷伯菌解冻复活后接种于LB肉汤培养基中,于35℃培养箱中培养24 h。挑取单个菌落制备细菌菌液,取2 ml离心10 min(12 000 r/min),取上清液为DNA模板,于-20℃下保存。

2.3.3 引物设计 引物设计参照GenBank及文献

[5-6],由宝生物工程(大连)有限公司合成。

2.3.4 反应体系 DNA模板 4 μ l, dNTP Mixture 混合物 4 μ l, 10 \times PCR Buffer 5 μ l, 上下引物各 1 μ l, Mg²⁺ (25 mmol/L) 3 μ l, Taq DNA 聚合酶 1 μ l, 加入蒸馏水补足至 50 μ l。

2.3.5 反应条件 (1)TEM 型反应条件:预变性 95 $^{\circ}$ C 5 min;变性 95 $^{\circ}$ C 30 s,退火 55 $^{\circ}$ C 30 s,延伸 72 $^{\circ}$ C 40 s,共 35 个循环;终延伸 72 $^{\circ}$ C 10 min。(2)SHV 型反应条件:预变性 95 $^{\circ}$ C 5 min;变性 95 $^{\circ}$ C 30 s,退火 50 $^{\circ}$ C 30 s,延伸 72 $^{\circ}$ C 40 s,共 35 个循环;终延伸 72 $^{\circ}$ C 10 min。(3)CTX-M 型反应条件:预变性 95 $^{\circ}$ C 5min;变性 95 $^{\circ}$ C 30s,退火 52 $^{\circ}$ C 30 s,延伸 72 $^{\circ}$ C 40 s,共 35 个循环;终延伸 72 $^{\circ}$ C 10 min。

2.3.6 PCR 扩增反应产物电泳 取 10 μ l PCR 扩增反应产物加入 1.5% 琼脂糖凝胶中,电泳 20 min,在紫外光下观察结果,并利用凝胶图像分析系统处理分析。

2.4 统计学分析 使用 SPSS 26.0 对本次研究数据进行处理分析,组间数据比较采用卡方检验, $P < 0.05$ 表示差异有统计学意义。

结果

1 感染部位

247 例发生院内感染的患儿,共发生 269 例次感染。发生感染部位中,第一位是上呼吸道(98 例次,占比 36.43%),其次是下呼吸道(57 例次,占比 21.19%)、胃肠道(45 例次,占比 16.73%)、切口(28 例次,占比 10.41%)、泌尿系统(14 例次,占比 5.20%)、血液(9 例次,占比 3.35%)、皮肤(7 例次,占比 2.60%)、腹腔(5 例次,占比 1.86%)、其他部位(6 例次,占比 2.23%)。

2 病原菌分布

共检出病原菌 275 株,其中革兰阴性菌 152 株,占比 55.27%,革兰阳性菌 56 株,占比 20.36%,真菌 25 株,占比 9.09%,病毒 42 株,占比 15.27%。革兰阴性菌中,29.45%为肺炎克雷伯菌(81/275),12.00%为大肠埃希菌(33/275),6.55%为铜绿假单胞菌(18/275),鲍曼不动杆菌、阴沟肠杆菌、洋葱伯克霍尔德菌分别占比 4.36%、1.82%、1.09%。革兰阳性菌中,9.82%为金黄色葡萄球菌(27/275),4.36%为表皮葡萄球菌(12/275),肺炎链球菌、粪肠球菌、屎肠球菌、人型葡萄球菌分别占比 3.27%、1.09%、1.09%、0.73%。真菌中,5.82%为白色念珠菌(16/275),3.27%为光滑假丝酵母菌(9/275)。病毒中,8.73%为轮状病毒(24/275),6.55%为流感病毒(18/275)。

3 不同感染部位的主要病原菌分布情况

上呼吸道感染部位分离肺炎克雷伯菌 36 株、大肠

埃希菌 10 株、金黄色葡萄球菌 7 株、表皮葡萄球菌 1 株、白色念珠菌 4 株,轮状病毒 2 株。下呼吸道感染部位分离肺炎克雷伯菌 19 株、大肠埃希菌 5 株、金黄色葡萄球菌 3 株、表皮葡萄球菌 2 株、白色念珠菌 5 株,轮状病毒 0 株。胃肠道感染部位分离肺炎克雷伯菌 9 株、大肠埃希菌 12 株、金黄色葡萄球菌 2 株、表皮葡萄球菌 1 株、白色念珠菌 1 株,轮状病毒 22 株。切口感染部位分离肺炎克雷伯菌 3 株、大肠埃希菌 1 株、金黄色葡萄球菌 12 株、表皮葡萄球菌 5 株、白色念珠菌 2 株,轮状病毒 0 株。

4 产超广谱 β -内酰胺酶(ESBLs)肺炎克雷伯菌基因型

81 株肺炎克雷伯菌中,产 ESBLs 肺炎克雷伯菌 42 株,检出率 51.85%(42/81)。对 42 株产 ESBLs 肺炎克雷伯菌进行 PCR 扩增,42 株菌株引物扩增均呈阳性。其中,10 株为 TEM 型(23.81%),3 株为 SHV 型(7.14%),8 株为 CTX-M-1 型(19.05%),7 株为 CTX-M-9 型(16.67%),2 株为 CTX-M-25 型(4.76%),2 株为 CTX-M-8 型(4.76%)。3 株为 TEM+CTX-M-1 型(7.14%),3 株为 TEM+CTX-M-9 型(7.14%),2 株为 SHV+CTX-M-1 型(4.76%),2 株为 SHV+CTX-M-9 型(4.76%)。

5 危险因素分析

对比 247 例发生院内感染患儿与同期 80 例未发生院内感染患儿的临床资料,单因素分析结果显示,年龄、营养状况、住院时间、抗菌药物使用种类、抗菌药物使用时间、重症监护对比差异具有统计学意义(均 $P < 0.05$,侵袭性操作对比差异不具有统计学意义(均 $P > 0.05$)(表 1)。

表 1 儿科院内感染单因素分析
Table 1 Single factor analysis of pediatric hospital infection

影响因素 Influence factor		感染组 (n=247)	无感染组 (n=80)	P
		Infection group	No infection group	
年龄	≤ 3 岁	150	25	0.000
	> 3 岁	97	55	
营养状况	差	115	6	0.000
	良好	98	48	
住院时间	≤ 10 d	161	73	0.000
	> 10 d	86	7	
抗菌药物 使用种类	≤ 3 种	184	74	0.001
	> 3 种	63	6	
抗菌药物 使用时间	≤ 3 d	76	48	0.000
	> 3 d	171	32	
侵袭性操作	无	222	77	0.077
	有	25	3	
重症监护	无	219	78	0.017
	有	28	2	

以是否发生院内感染为因变量,以上述单因素为自变量进一步进行二元 Logistic 回归分析,结果显示,年龄 ≤ 3 岁、营养状况差、住院时间 > 10 d、抗菌药物使用种类 > 3 种、抗菌药物使用时间 > 3 d是儿科学院内感染的独立危险因素($P < 0.05$ (表 2))。

表 2 儿科学院内感染多因素分析
Table 2 Multifactor analysis of nosocomial infection in pediatrics

相关因素 Related factors	β	SE	Wald χ^2	P	OR	95%CI
年龄	-1.415	0.359	15.571	0.000	0.243	(0.12~0.491)
营养状况	-1.669	0.253	43.459	0.000	0.188	(0.115~0.309)
住院时间	1.566	0.467	11.259	0.001	4.789	(1.918~11.956)
抗菌药物使用种类	1.376	0.530	6.749	0.009	3.958	(1.402~11.177)
抗菌药物使用时间	1.082	0.344	9.886	0.002	2.950	(1.503~5.791)

讨 论

目前,院内感染已经成为全球公共卫生安全重要问题之一,儿科患儿处于身体发育阶段,自身免疫力低下,住院期间一旦发生院内感染,会影响患儿治疗效果,加重病情发展甚至对患儿生命安全造成重大威胁^[7,8]。目前我国儿科总体感染率为 2.56%~5.22%,略高于国外儿科感染率^[9,10],随着国家加强对医院感染的监控与监管,院内感染率呈现不断下降趋势。

本次研究对发生院内感染的儿科患儿感染部位进行统计分析发现,发生感染部位主要为上呼吸道、下呼吸道及胃肠道为主,与王莹莹等^[11]研究结果一致。婴幼儿呼吸道黏膜系统与消化系统尚未发育成熟,抵御外界病原菌侵入能力弱,容易发生感染。尤其是新生儿对致病微生物、病毒非常敏感,容易引发交叉感染。

杨梅等^[12]关于住院患儿医院感染病原菌分布研究显示,病原菌主要以肺炎克雷伯菌、铜绿假单胞菌、鲍曼不动杆菌及大肠埃希菌为主。本次研究中,共检出 275 株病原菌,55.27%为革兰阴性菌,以肺炎克雷伯菌与大肠埃希菌为主,20.36%为革兰阳性菌,以金黄色葡萄球菌为主,15.27%为病毒,主要为轮状病毒。呼吸道感染主要为肺炎克雷伯菌与大肠埃希菌,胃肠道感染主要为轮状病毒与大肠埃希菌,切口感染主要为金黄色葡萄球菌与表皮葡萄球菌。轮状病毒主要通过密切接触及呼吸道传播,携带轮状病毒的患儿住院后,容易引发交叉感染,因此,要重点做好患儿、家长及医护人员的手部、餐具及病房消毒工作,尽量阻断病毒可能的传播途径。

1983 年德国首次报道了产超广谱 β -内酰胺酶菌株,随着近些年来,广谱抗生素在临床上的大量应用,世界各地关于产超广谱 β -内酰胺酶菌株引发的爆发性流行报道有许多^[13]。ESBLs 的基因型目前被发现的多以 TEM、SHV、CTX-M 等居多,有关报道显示,美

国感染 ESBLs 的基因型以 SHV-12 与 TEM-1 为主^[14]。本次研究共发现 42 株产 ESBLs 肺炎克雷伯菌,以 TEM、CTX-M-1 及 CTX-M-9 为主要基因型。肺炎克雷伯菌作为院内感染的重要致病菌之一,可引发全身多部位感染。产 ESBLs 肺炎克雷伯菌对多种药物呈现较高耐药性,成为院内感染治疗的重点难题,临床上要合理使用抗菌药物,尤其是第三代头孢菌素,对控制产 ESBLs 肺炎克雷伯菌菌株的产生具有重要意义。

引起儿科发生院内感染的影响因素较多,刘璐等^[15]关于儿科学院内感染的影响因素研究发现,与年龄、住院时间、侵袭性操作、营养不良、抗生素使用、免疫抑制剂使用以及重症监护等均导致患儿发生院内感染。本次研究中,年龄 ≤ 3 岁、营养状况差、住院时间 > 10 d、抗菌药物使用种类 > 3 种、抗菌药物使用时间 > 3 d是儿科发生院内感染的独立危险因素。儿科患儿年龄普遍较小,尤其是 3 岁以下的患儿,应积极通过合理饮食增强患儿自身免疫力,缩短患儿住院时间,临床上合理使用抗菌药物,提高患儿及家属卫生安全意识,采取有效措施阻断细菌的传播途径。

【参考文献】

- [1] George AA, Isac M. Effect of umbilical cord milking on maternal and neonatal outcomes in a tertiary care hospital in South India: A randomized control trial[J]. J Obstet Gyn India, 2021(24):1-8.
- [2] Schneider LW, Crenshaw JT, Gilder RE. Influence of immediate skin-to-skin contact during cesarean surgery on rate of transfer of newborns to NICU for observation[J]. Nurs Womens Health, 2017, 21(1):28-33.
- [3] Chiruvolu A, Qin H, Nguyen ET, et al. The effect of delayed cord clamping on moderate and early late-preterm infants[J]. Am J Perinatol, 2018, 35(3):286-291.
- [4] Gikonyo JN, Mbatia B, Okanya PW, et al. Post-vaccine rotavirus genotype distribution in Nairobi County, Kenya [J]. Intern J Infect Dis, 2020(100):434-440.
- [5] Abe Y, Nakamura K, Kaji D, et al. Analysis of clinical isolates of extended spectrum β lactamase -producing bacteria with primer and probe: sets, developed to detect bla CTX-M, bla TEM, and blaSHV using a fully automated gene detection system[J]. Jpn J Infect Dis, 2019, 72(6):381-386.
- [6] Harada S, Ishii Y, Saga T, et al. Chromosomal integration and location on IncT plasmids of the bla CTX-M-2 gene in Proteus mirabilis clinical isolates [J]. Antimicrob Agents Chemother, 2012, 56(1):1093-1096.
- [7] Graeme M, Luregn JS, Alexander M. Nosocomial infections during extracorporeal membrane oxygenation in neonatal, pediatric, and adult patients: A comprehensive narrative review [J]. Pediatr Crit Care Med, 2020, 21(3):283-290.
- [8] Katherine C, Ron R, Heidi JD, et al. Acquired infection during neonatal and pediatric extracorporeal membrane oxygenation[J]. Perfusion, 2018, 33(6):472-482.

- [6] Watari J, Tomita T, Tovoshima F, et al. Clinical outcomes and risk factors for perforation in gastric endoscopic submucosal dissection: A prospective pilot study [J]. *World Gastrointest Endosc*, 2018, 16(5):281-287.
- [7] 赵飞, 杨建民, 徐启顺, 等. 早期消化道肿瘤内镜黏膜下剥离术和外科手术治疗的有效性和安全性 Meta 分析 [J]. *中国内镜杂志*, 2014, 20(9):912-918.
- [8] Oyama T, Yahagi N, Ponchon T, et al. How to establish endoscopic submucosal dissection in Western countries [J]. *World J Gastroenterol*, 2020, 21(40):11209-11220.
- [9] Kim M, Jeon SW, Cho KB, et al. Predictive risk factors of perforation in gastric endoscopic submucosal dissection for early gastric cancer: a large, multicenter study [J]. *Surg Endosc*, 2019, 27(4):1372-1378.
- [10] Goto O, Fujishiro M, Kodashima S, et al. A second-look endoscopy after endoscopic submucosal dissection for gastric epithelial neoplasm maybe unnecessary: a retrospective analysis of post endoscopic submucosal dissection bleeding [J]. *Gastrointest Endosc*, 2018, 71(2):241-248.
- [11] 朱云燕, 徐建光, 赵黎明. 消化道肿瘤患者内镜下黏膜剥离术后感染病原菌构成与药敏及危险因素研究 [J]. *中华医院感染学杂志*, 2017, 27(15):3476-3479.
- [12] 彭琴. 三联与四联疗法治疗内镜黏膜下剥离术后 Hp 感染效果比较 [J]. *西南国防医药*, 2017, 27(2):143-145.
- [13] 李莉, 李卫红, 江恒, 等. 胃炎口服液对 Hp 感染小鼠血清及胃黏膜细胞因子的影响 [J]. *西南国防医药*, 2015, 25(2):129-131.
- [14] 裴俊烽, 张前进, 陈柏庆, 等. 恶性消化道肿瘤手术患者医院感染的危险因素分析 [J]. *中华医院感染学杂志*, 2015, 25(10):2312-2316.
- [15] Shaffer VO, Baptiste CD, Liu Y, et al. Improving quality of surgical care and outcomes: factors impacting surgical site infection after colorectal resection [J]. *Am Surg*, 2014, 80(8):759-763.
- 【收稿日期】 2022-08-26 【修回日期】 2022-11-05

(上接 228 页)

- [18] Wang M, Sun H, Yao Y, et al. MicroRNA-217/138-5p downregulation inhibits inflammatory response, oxidative stress and the induction of neuronal apoptosis in MPP⁺-induced SH-SY5Y cells [J]. *Am J Transl Res*, 2019, 11(10):6619-6631.
- [19] 范佳妮, 牟利军, 陶招娣, 等. 慢性肾小球肾炎患者血清 lncRNA XIST、miR-217 表达及其预后相关性研究 [J]. *中国卫生检验杂志*, 2021, 31(16):1971-1979.
- [20] Wang WY, Zheng YS, Li ZG, et al. MiR-92a contributes to the cardiovascular disease development in diabetes mellitus through NF- κ B and downstream inflammatory pathways [J]. *Eur Rev Med Pharmacol Sci*, 2019, 23(7):3070-3079.
- [21] 王丽. Interleukin-10 和 MicroRNA-92a 对人巨细胞病毒感染宿主细胞自噬和凋亡的调控机制研究 [D]. 上海: 上海交通大学, 2016.
- [22] 余岳芬, 刘振华, 廖海燕, 等. 血清 miR-92a 和 miR-146a 表达水平联合肺部超声评分预测 ARDS 严重程度及预后的价值 [J]. *中华危重病急救医学*, 2020, 32(10):1231-1235.
- [23] Chen G, Gao J, Sheng Y, et al. Diagnostic value of miR-92a in asymptomatic carotid artery stenosis patients and its ability to predict cerebrovascular events [J]. *Diagn Pathol*, 2020, 15(1):74-84.
- 【收稿日期】 2022-08-15 【修回日期】 2022-11-06

(上接 232 页)

- [9] Yu X, He C, Wang Y, et al. Preterm neonatal mortality in China during 2009-2018: A retrospective study [J]. *PLoS One*, 2021, 16(12):e0260611.
- [10] Balaban I, Tanir G, Metin Timur O, et al. Nosocomial infections in the general pediatric wards of a hospital in Turkey [J]. *J Jpn Infect Dis*, 2012, 65(7):318-321.
- [11] 王莹莹, 吴玉筠, 徐子迪. 2007-2018 年某儿童医院医院感染回顾性分析 [J]. *现代医院管理*, 2020, 18(6):40-43.
- [12] 杨梅. 住院患儿医院感染检测与病原菌分布及耐药性调查研究 [D]. 南方医科大学, 2014.
- [13] Tasli H, Bahar IH. Molecular characterization of TEM and SHV derived extended spectrum β -lactamases in hospital-based Enterobacteriaceae in Turkey [J]. *Infect Dis*, 2015, 58(7):161-163.
- [14] Sutherland CA, Nicolau DP. Potency of parenteral antimicrobials including ceftolozane / tazobactam against nosocomial respiratory tract pathogens: considerations for empiric and directed therapy [J]. *J Thorac Dis*, 2017, 9(1):214-221.
- [15] 刘璐. 儿科院内感染的影响因素及干预措施 [J]. *河南预防医学杂志*, 2018, 29(11):818-820.
- 【收稿日期】 2022-09-20 【修回日期】 2022-12-01